

# Note préliminaire sur la localisation chromosomique d'un gène de stérilité pollinique chez le cotonnier

par

**P. KAMMACHER    Ch. POISSON    J. SCHWENDIMAN**

Station Centrale de l'I.R.C.T.  
BOUAKÉ (Côte d'Ivoire)

Les particularités de la biologie florale du cotonnier rendent difficile chez cette Malvacée la fabrication d'hybrides de première génération de manière à exploiter en grande culture le phénomène de vigueur hybride (1) (2). Le problème semble approcher d'une solution depuis la découverte chez l'espèce de cotonnier *Gossypium hirsutum* de plusieurs gènes récessifs qui déterminent un avortement prononcé du pollen sans altérer la fécondité des ovules (3). Cette castration génétique simplifierait en effet la réalisation des croisements industriels à la condition qu'on puisse obtenir en grand nombre des plantes de génotype  $ms_1 ms_1$ . La voie de l'autofécondation est évidemment impraticable dans ce cas, et il s'impose d'avoir recours au croisement de l'homozygote  $ms_1 ms_1$  par l'hétérozygote  $M_s ms_1$  à pollen fertile. Ce croisement, réalisable par la culture en lignes alternées des deux génotypes, donne une population composée pour moitié de plantes mâle-stériles dont il suffit de faire le tri. Dans la pratique, cette identification impose l'examen des fleurs de nombreuses plantes. Elle serait considérablement simplifiée par l'emploi d'un gène marqueur, étroitement lié au gène de stérilité mâle, et à morphisme décelable à un stade juvénile de développement du cotonnier.

Ces considérations nous ont conduit à organiser des expériences destinées à déterminer sur quel chromosome se situe le gène  $ms_1$  (3) de stérilité pollinique du cotonnier et à rechercher des gènes marqueurs proches de celui-ci. Dans le travail décrit ici, nous avons confronté le gène  $ms_1$  avec huit mutants de *Gossypium hirsutum* désignés selon la nomenclature de STEPHENS (4) par les symboles  $R_1$ ,  $R_2$ ,  $L$ ,  $Lc_1$ ,  $N$ ,  $Yg_2$ ,  $Cn$  et  $Fr$ . Relativement à ce système la souche mâle-stérile à l'étude possède le génotype  $r_1 r_1 r_2 r_2$   $ll lc_1 lc_1$   $nn Yg_2 Yg_2$   $Cn Cn$   $Fr Fr$ . Elle a été croisée par deux souches à pollen normal,  $SM_1$  et  $SM_2$ , qui portent respectivement les allèles dominants et récessifs des huit loci marqués. Les ségrégations ont été étudiées d'une part sur le rétrocroisement de la souche mâle-stérile par la  $F_1$  (souche mâle-stérile  $\times$   $SM_1$ ) et d'autre part sur la  $F_2$  obtenue par autofécondation de la  $F_1$  (souche mâle-stérile  $\times$   $SM_1$ ). Les principaux résultats expérimentaux et leur analyse statistique sont donnés dans le Tableau I.

Tableau 1

*Etude de l'indépendance du gène  $ms_1$  vis-à-vis de huit gènes marqueurs de *Gossypium hirsutum*.*

Loci confrontés et type de population ségréante	Phénotypes et fréquences observées	Analyse statistique de l'indépendance des loci
$R_1 Ms_1$ Rétrocroisement	$R_1 Ms_1^*$ 302 $R_1 ms_1$ 69 $r_1 Ms_1$ 85 $r_1 ms_1^*$ 247	$\chi^2 = 220,61$ $P < 0,001$
$R_2 Ms_1$ Rétrocroisement	$R_2 Ms_1^*$ 187 $R_2 ms_1$ 156 $r_2 Ms_1$ 200 $r_2 ms_1^*$ 160	$\chi^2 = 0,07$ $P > 0,70$
$L Ms_1$ Rétrocroisement	$L Ms_1^*$ 196 $L ms_1$ 172 $l Ms_1$ 191 $l ms_1^*$ 144	$\chi^2 = 1,00$ $P > 0,30$
$Lc_1 Ms_1$ Rétrocroisement	$Lc_1 Ms_1^*$ 193 $Lc_1 ms_1$ 145 $lc Ms_1$ 194 $lc_1 Ms_1^*$ 171	$\chi^2 = 1,05$ $P > 0,30$
$N Ms_1$ Rétrocroisement	$N Ms_1^*$ 202 $N ms_1$ 154 $n Ms_1$ 185 $n ms_1^*$ 162	$\chi^2 = 0,83$ $P > 0,30$
$Yg_2 Ms_1$ $F_2$	$Yg_2 Ms_1$ 676 $Yg_2 ms_1^* yg_2 Ms_1^*$ 156 $yg_2 Ms_1^*$ 195 $yg_2 ms_1$ 52	$\chi^2 = 0,65$ $P > 0,30$
$Cn Ms_1$ $F_2$	$Cn Ms_1$ 662 $Cn ms_1^* cn Ms_1^*$ 149 $cn Ms_1^*$ 209 $cn ms_1$ 59	$\chi^2 = 1,70$ $P > 0,10$
$Fr Ms_1$ $F_2$	$Fr Ms_1$ 649 $Fr ms_1^* fr Ms_1^*$ 155 $fr Ms_1^*$ 222 $fr ms_1$ 53	$\chi^2 = 0,00$ $P > 0,99$

N.B. — Les associations parentales sont désignées ci-dessus par le signe \*.

La lecture de ce tableau montre que la transmission de tous les gènes marqueurs est mendélienne alors que la disjonction du couple Ms-ms<sub>1</sub> est caractérisée par une déficience de la classe récessive, aussi bien dans le rétrocroisement (387 Ms<sub>1</sub> - 316 ms<sub>1</sub>,  $\chi^2 = 7.171$ ,  $P < 0.01$ ) qu'en F<sub>2</sub> (871 Ms<sub>1</sub> - 208 ms<sub>1</sub>,  $\chi^2 = 18.947$ ,  $P < 0.01$ ). Pour cette raison, les épreuves d'indépendance ont été calculées à l'aide des tables de contingence 2 x 2. Ces valeurs de  $\chi^2$ , données dans la colonne de droite du Tableau I, montrent que le caractère de stérilité mâle est indépendant de tous les marqueurs à l'étude sauf du gène R<sub>1</sub>. D'après les chiffres obtenus dans la ségrégation du couple R<sub>1</sub>M<sub>1</sub>, le taux de recombinaison entre les deux loci peut être estimé à 0.221. Ces résultats localisent donc le gène ms<sub>1</sub> sur le chromosome porteur du locus R<sub>1</sub>. L'allèle R<sub>1</sub> utilisé dans cette étude a un morphisme décelable précocement (coloration rouge de la plante). Le Tableau I montre que, dans la descendance du croisement r<sub>1</sub>r<sub>1</sub> ms<sub>1</sub>ms<sub>1</sub> x R<sub>1</sub>R<sub>1</sub> Ms<sub>1</sub>ms<sub>1</sub>, l'élimination des plantes rouges conduirait à l'obtention d'une population contenant 74% de plantes mâles-stériles. Cette proportion est déjà intéressante économiquement; elle pourrait être accrue par l'emploi d'un gène marqueur du même chromosome plus proche de ms<sub>1</sub> que R<sub>1</sub>. On connaît précisément sur ce chromosome d'autres mutants qui pourraient répondre à cette condition. Leurs relations avec ms<sub>1</sub> sont actuellement à l'étude.

### RÉSUMÉ

Le gène ms<sub>1</sub>, qui gouverne chez *Gossypium hirsutum* une déficience pollinique est situé sur le même chromosome que le gène de pigmentation anthocyanique R<sub>1</sub>, dont il est distant de 22 unités Morgan environ. Cette liaison présente un intérêt au point de vue du problème de l'utilisation pratique de la vigueur hybride dans la culture du cotonnier.

### BIBLIOGRAPHIE

- (1) LODEN H.D. et RICHMOND T.R. (1950). — Hybrid vigor in cotton. Cytogenetic aspects and practical applications. *Economic Botany*, 5, 337-408.

- (2) KEARNEY T.H. et HARRISSON G.J. (1924). — Selective fertilization in cotton. *J. Agric. Res.*, 27, 329-340.
- (3) JUSTUS N., MAYER J.R. et ROUX J.B. (1963). — A partially male-sterile character in Upland cotton. *Crop Science*, 3, 428-429.
- (4) STEPHENS S.G. (1955). — Linkage in Upland cotton. *Genetics*, 40, 903-917.

### RESUMEN

El gen ms<sub>1</sub> que gobierna en el *Gossypium hirsutum* una deficiencia polínica, está situado en el mismo cromosoma que el gen de pigmentación antocianica R<sub>1</sub>, del cual dista 22 unidades Morgan aproximadamente. Este enlace presenta un interés desde el punto de vista del problema de la utilización práctica del vigor híbrido en el cultivo del algodón.

### SUMMARY

The gene ms<sub>1</sub> governing partial abortion of pollen in *Gossypium hirsutum* is located on the same chromosome as the gene for anthocyanic pigmentation R<sub>1</sub>, the map distance between these genes being about 22 units. This linkage is of interest from the standpoint of the problem of practical use of hybrid vigor in cotton cultivation.

### REMERCIEMENTS

Les auteurs tiennent à exprimer ici leurs remerciements au Professeur S.G. STEPHENS (Genetics Department, North Carolina State College, Raleigh, N.C., U.S.A.) qui a bien voulu mettre à leur disposition les lignées génétiquement marquées SM<sub>1</sub> et SM<sub>2</sub> utilisées dans ce travail.